forensische dna-analyse

eine einführung für strafverteidiger*innen

über diese broschüre

Diese Broschüre gibt eine Einführung in die forensische DNA-Analyse für Strafverteidiger*innen und ist kein Biologie-Seminar. Deshalb sind viele der biogenetischen Prozesse sehr verkürzt dargestellt. Leser*innen werden daher weder eine Aufzählung der Kohlestoffmoleküle finden, aus denen die Desoxyribose besteht, noch erläutern wir die einzelnen Basen, mittels derer die Seitenstränge der DNA verknüpft sind. Nicht einmal die berühmte DNA-Doppelhelix hat es als Symbolbild in diese Broschüre geschafft.

Wer sich mit der DNA-Analyse befasst, wird schnell verstehen, warum Wissenschaftler*innen sich dafür begeistern können. Um ein Grundverständnis der Ablaufprozesse in der forensischen Praxis zu vermitteln, sind diese Informationen aber nicht erforderlich. Für diejenigen, die mehr darüber erfahren wollen, haben wir am Ende einige nützliche Links zu Initiativen und Fachzeitschriften zusammengestellt.

Diese Broschüre orientiert sich lose an der 2017 in englischer Sprache von ›Sense about Science‹ herausgegebenen Broschüre ›Making Sense of Forensic Genetics‹,* gibt diese aber nicht einfach übersetzt wieder.

* https://senseaboutscience.org/activities/making-sense-of-forensic-genetics/

Die Broschüre wird herausgegegebn und vertrieben vom Organisationsbüro der Strafverteidigervereinigungen, Fanny-Zobel-Str. 11, 12435 Berlin.
www.strafverteidigertag.de / Stand: Mai 2021.

An der Broschüre mitgewirkt haben Johanna Braun, Angela Furmaniak, Cäcilia Rennert, Anette Scharfenberg und Thomas Uwer.

Bild: Elektropherogramm einer DNA-Spur / Quelle: BKA

dna-beweis

So gut wie jede Zelle des menschlichen Körpers enthält eine einzigartige DNA. Was wir auch tun und wo immer wir auch sind: Wir sondern unentwegt Zellen ab und hinterlassen damit Spuren, die Aufschluss über unsere Identität geben.

DNA: Deoxyribonucleic Acid bzw. Desoxyribonukleinsäure ist eine Nukleinsäure. Sie trägt die Erbinformation bei allen Lebewesen.

Gen: Abschnitt auf der DNA, der Grundinformationen für die Entwicklung von Eigenschaften eines Individuums und zur Herstellung einer biologisch aktiven RNA enthält.

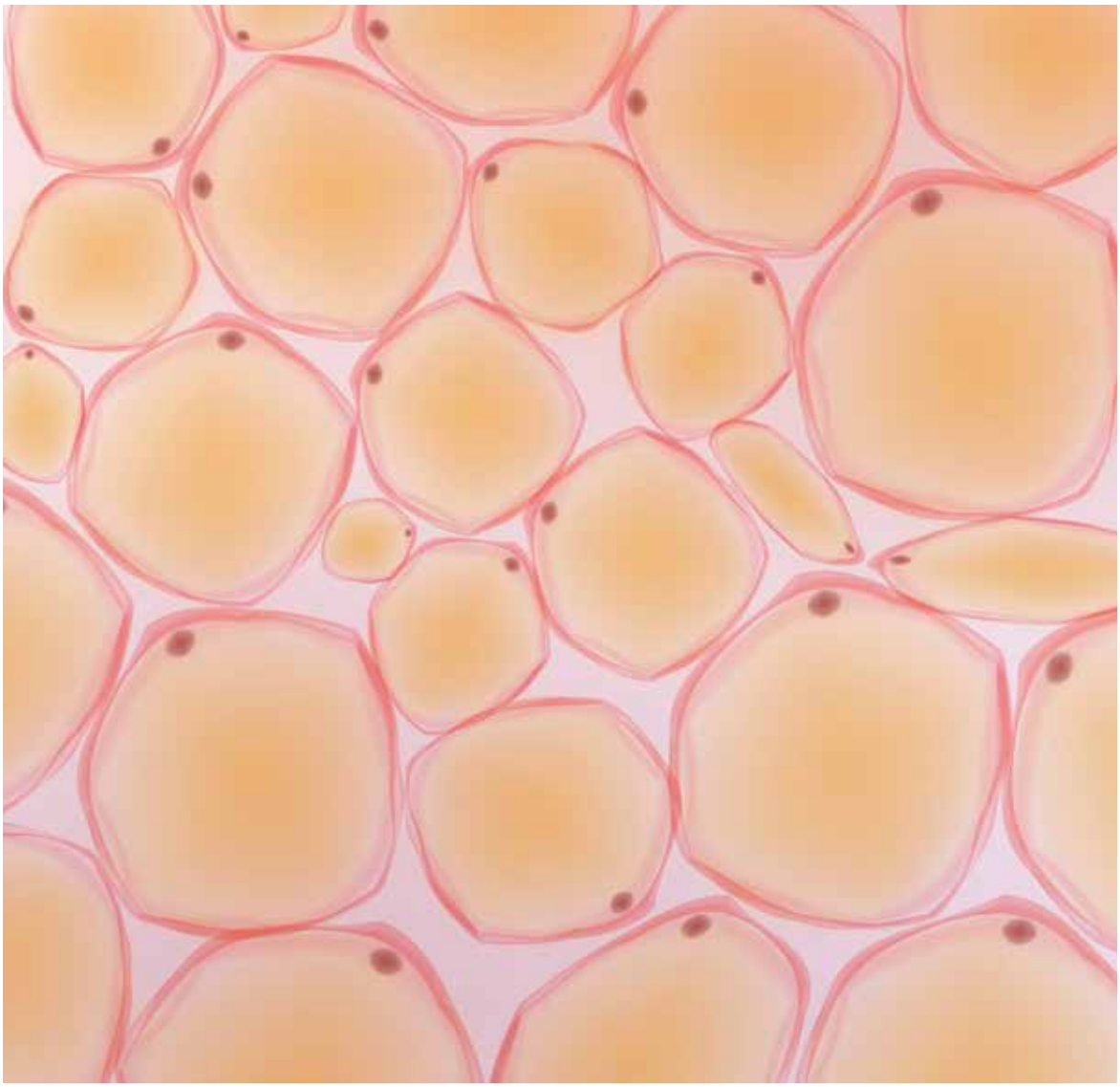
Genom: (auch ›Erbgut‹ eines Lebewesens oder eines Virus) Gesamtheit der materiellen Träger der vererbbaren Informationen einer Zelle oder eines Viruspartikels: Chromosomen, Desoxyribonukleinsäure (DNS = DNA) oder Ribonukleinsäure (RNS = RNA).

Chromosomen: Bestandteile komplexer Zellen, auf denen die für die Vererbung von Eigenschaften notwendigen Erbinformationen gespeichert sind. Ein Chromosom enthält DNA, auf der die Gene codiert sind.

Menschliche DNA (oder DNS, wie die mittlerweile kaum noch gebräuchliche deutsche Abkürzung heißt) ist ein sog. Biomolekül innerhalb der Chromosomen, also jener Zellbestandteile, auf denen Erbinformationen gespeichert sind. Die DNA ist der Träger dieser Erbinformationen. Sie kommt in den Zellen jedes Lebewesens vor und ist einmalig, das heißt: Jeder einzelne Mensch besitzt eine einzigartige DNA.

Genau das macht die DNA-Analyse so interessant für die Forensik. Wenn jede DNA einzigartig ist, dann ist sie ein eindeutiges Identifizierungsmerkmal, weshalb DNA-Spuren auch gerne als ›genetischer Fingerabdruck‹ bezeichnet werden. Doch gegenüber einem Fingerabdruck (gegen den bereits ein Handschuh hilft) hat eine DNA-Spur einen entscheidenden Vorteil: Wo immer wir uns aufhalten, hinterlassen wir unweigerlich kleine oder größere Spuren unserer DNA – in Form von Körperflüssigkeiten wie Schweiß, Blut, Speichel oder Sperma, über Haare (enthalten in den Haarwurzeln) oder Hautschuppen. Etliche tausend Hautzellen verliert der Körper jede Minute, viele davon hinterlassen wir als mikroskopisch kleine Spuren. Für forensische Forscher und Ermittler ist die Entdeckung der DNA-Struktur daher ein Glücksfall, denn sie erlaubt Rückschlüsse darauf, wo wir waren, mit was oder mit wem wir in Kontakt gewesen sind. Oder doch nicht?

Vielen gilt der DNA-Beweis als ›Superbeweis‹, weil er zumindest theoretisch in der Lage ist, eine Identität auf wissenschaftlicher Grundlage genau zu bestimmen. Tatsächlich scheinen die Zahlen für sich zu sprechen: Liegt eine gut erhaltene DNA-Spur vor, so kann sie mit einer enorm hohen Wahrscheinlichkeit einem Tatverdächtigen zugeordnet werden.



›Gut erhalten‹ bedeutet: Bei der vollständigen Auswertung aller derzeit untersuchten 16 Loci der DNA-Spur kann bei einer Übereinstimmung im Idealfall mit einer Wahrscheinlichkeit von 1:10.000.000.000.000.000 davon ausgegangen werden, dass der Spurenverursacher und die Referenzperson identisch sind. Zwar handelt es sich dabei um eine Wahrscheinlichkeitsangabe, diese aber ist so erdrückend genau, dass für Zweifel kaum Platz bleibt.

Dies setzt allerdings einiges voraus:

1. Genauso, wie es eine DNA-Spur braucht, um ein DNA-Profil zu erstellen, bedarf es einer tatverdächtigen Person, mit deren DNA das Spuren-Profil verglichen werden kann. Man benötigt eine Referenzperson, der die Spur zugeordnet werden kann.
2. Die in der DNA-Spur enthaltenen Informationen müssen einigermaßen erhalten sein und richtig ausgelesen werden. DNA-Spuren sind oft unvollständig und/oder durch Wärme oder Feuchtigkeit (teilweise) zersetzt.
3. Kontamination und Laborfehler müssen ausgeschlossen sein.
4. Die Wahrscheinlichkeitsberechnung muss fehlerfrei durchgeführt und in den richtigen Kontext gestellt werden.

„In der Praxis ist der DNA-Beweis schwieriger und fehleranfälliger als gerne vermutet.

Weitere Voraussetzungen kommen hinzu, wird die DNA-Analyse im Rahmen eines Strafverfahrens genutzt, um einen Beweis über die Tatschuld (oder eben die Unschuld) eines Beschuldigten zu führen. Letztlich sagt auch die mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit festgestellte Identität von DNA-Spur und Referenz-DNA eben nicht mehr aus, als dass die DNA der betreffenden Person an einem bestimmten Ort gefunden wurde.

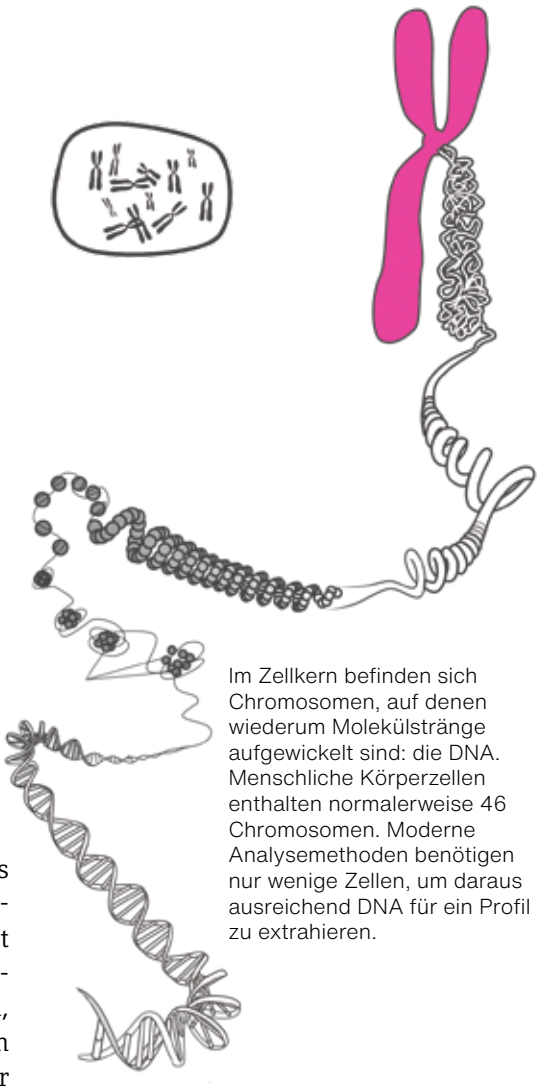
Hier gilt zusätzlich:

5. Die DNA-Spur muss im Kontext von Tatort und -geschehen richtig zugeordnet werden.
6. Die DNA-Spur muss durch andere Beweise ergänzt werden und darf nicht alleiniger Tatbeweis sein.
7. Die Möglichkeit von Hintergrund-DNA, sekundärem oder tertiärem DNA-Transfer muss ausgeschlossen und die möglicherweise eingeschränkte Aussagekraft durch Mischspuren berücksichtigt werden.
8. Die Wahrscheinlichkeitsangaben des Gutachtens müssen richtig verstanden und interpretiert werden.

Kurz: In der Praxis ist die DNA-Forensik begrenzter, schwieriger und fehleranfälliger als gerne vermutet. DNA-Spuren können unkenntlich bleiben, übersehen werden oder in zu kleinen Mengen vorliegen; sie können zersetzt, verunreinigt oder mit anderer DNA vermischt sein; sie können schließlich eingeschleppt oder übertragen worden sein. Nicht jede an einem Tatort gefundene DNA-Spur steht zwangsläufig im Zusammenhang mit der Tat. Fehler können bei der Sicherung des Tatorts, beim Transfer des Materials in das untersuchende Labor, bei der Untersuchung dort sowie bei der Erfassung und Anonymisierung der Daten unterlaufen. Wahrscheinlichkeitsaussagen können auf fehlerhaften Berechnungen beruhen oder falsch interpretiert werden. Und schließlich fußt auch die Nutzung von DNA-Spuren im Strafverfahren auf der Interpretation des gefundenen Materials. DNA-Analysen können falsch bewertet oder in einem falschen Kontext interpretiert werden. Die nachgewiesene Existenz eines identischen DNA-Profils ist daher nicht automatisch ein Schuldbeweis.

Diese Broschüre soll einen Überblick geben über die Funktionsweise und die Methoden der forensischen DNA-Analyse– über mögliche Fehlerquellen und Gefahren ebenso, wie über Möglichkeiten und Chancen der Technik.

von der spur zum profil



Im Zellkern befinden sich Chromosomen, auf denen wiederum Molekülstränge aufgewickelt sind: die DNA. Menschliche Körperzellen enthalten normalerweise 46 Chromosomen. Moderne Analysemethoden benötigen nur wenige Zellen, um daraus ausreichend DNA für ein Profil zu extrahieren.

Die DNA ist ein Molekül, das genetische Informationen enthält. Sie ist ein wichtiger Faktor bei der Bestimmung unseres Aussehens, obwohl 99,9 % unserer DNA identisch ist mit derjenigen anderer Menschen. Es sind die verbleibenden 0,1 %, die uns als Individuen auszeichnen und deshalb vor allem für forensische Genetiker von Interesse sind. Sie können damit ein ›DNA-Profil‹ aus menschlichem biologischen Material an einem Tatort erstellen, das wiederum mit der Referenz-DNA eines Verdächtigen verglichen werden kann. Daraus lässt sich die Wahrscheinlichkeit berechnen, mit welcher der (bekannte) Verdächtige die DNA-Spur beigetragen hat.

Die gleiche DNA-Sequenz ist in jeder Zelle unseres Körpers vorhanden (mit Ausnahme roter Blutkörperchen). Da wir unablässig Zellen an unsere Umgebung absondern, bedeutet dies, dass wir eine regelrechte DNA-Spur hinter uns herziehen. DNA ist in Hausstaub vorhanden, in den Rückständen, die wir auf dem Weinglas hinterlassen, und in den Wurzeln der Haare, die an unserem Pullover haftenbleiben. Wo wir auch sind, verteilen wir unsere DNA und alles, was wir berühren, könnte mit Spuren unserer DNA behaftet sein.

In den 80er Jahren, als die forensische DNA-Analyse noch in den Kinderschuhen steckte, brauchte es noch einen ordentlichen Klecks Körperflüssigkeit – Blut, Sperma oder Spucke von der Größe einer 1-Cent-Münze –, um daraus ein verwertbares DNA-Profil zu identifizieren. Das änderte sich 1997, als der australische Forensiker Roland van Oorschot die Fachwelt mit einem kurzen Artikel über »DNA Fingerprints from Fingerprints«* in Aufregung versetzte, in dem er die Möglichkeit beschrieb, DNA nicht nur aus Körperflüssigkeiten, sondern bereits aus jenen winzigen Spuren zu gewinnen, die eine kurze Berührung hinterlässt. Seit Anfang der 2000er Jahre hat die Entwicklung technischer Analysemethoden sich weiter beschleunigt und immer

* Roland van Oorschot & Maxwell Jones: **DNA fingerprints from fingerprints**, in: Nature 1997, S. 767; online: https://www.nature.com/articles/42838

kleinere Spuren können ausgewertet und ein DNA-Profil aus ihnen erzeugt werden. Heute reichen bereits weniger als 50 Pikogramm (1 Pikogramm = 1 Billionstel Gramm) DNA aus. Das ist die Menge, die in etwa acht menschlichen Zellen enthalten ist. Solche Spuren sind für das bloße Auge unsichtbar.

DNA kann mit verschiedenen forensischen Techniken nachgewiesen und analysiert werden, die jeweils auf unterschiedliche Teile der DNA abzielen und ihre spezifischen Vor- und Nachteile haben (siehe: Methoden). Auch der Aufwand, der betrieben werden muss, um ein DNA-Profil aus verschiedenen Körpergeweben zu extrahieren, variiert. So ist es relativ einfach, ein DNA-Profil aus Blut, Speichel und Sperma zu erstellen, während die Extraktion von DNA aus Berührungsspuren an Gegenständen, wo oft nur eine kleine Anzahl von Hautzellen vorhanden ist, mitunter eine echte Herausforderung darstellt. Aus Haaren können bspw. vollständige STR-Profile (STR steht für Short Tandem repeat) nur dann erstellt werden, wenn sie eine Wurzel haben, an der intakte Zellen haften. Ist keine Wurzel mehr vorhanden – wie es oft der Fall ist – kann die Erstellung eines vollständigen STR-Profils schwierig werden. Hier kann mitunter aber ein mitochondriales DNA-Profil erstellt werden, was weniger effizient bei der Identifizierung von Individuen ist. Mitochandriale DNA kann dafür aber auch aus verbrannten oder stark zersetzten menschlichen Überresten gewonnen werden.

Wie genau die Identifizierung ist – also die Wahrscheinlichkeit, dass es sich um ein und dieselbe Person handelt – hängt also einerseits von der Qualität der gefundenen Spur, andererseits von dem gewählten Analyseverfahren ab.

STR: steht für Short Tandem Repeats. STRs sind kurze, sich wiederholende DNA-Sequenzen. Jeder STR-Marker enthält zwei oder mehr Nukleotide, die direkt nebeneinanderliegend wiederholt werden. Die Anzahl der Wiederholungen (Repeats) unterscheidet sich (in der Regel) bei nichtverwandten Menschen.

Codierende DNA: bezeichnet jenen Teil der DNA, der Erbinformationen für Proteine kodiert. Nur ein kleiner Anteil menschlicher DNA (etwa fünf Prozent) ist kodierend.

Junk-DNA: So wird der nichtcodierende Teil der DNA mitunter bezeichnet. Allerdings ist auch der nicht-codierende Bereich der DNA nicht funktionslos.

wie funktioniert die dna-analyse?

Die DNA ist in jeder Zelle des menschlichen Körpers enthalten (mit Ausnahme der roten Blutkörperchen) und zwar in Form sog. Chromosomen, auf denen die DNA gewissermaßen aufgewickelt ist. Diese DNA besteht aus einem sehr kleinen Teil sog. codierender Abschnitte – auf denen sich die Erbinformationen befinden, die für unsere individuellen Merkmale verantwortlich sind – und einem sehr großen Teil sog. nichtcodierender Abschnitte. Von den nichtcodierenden Bereichen der DNA wird angenommen, dass sie keine Erbinformationen enthalten, sondern quasi Füllmaterial darstellen. Man nennt sie deshalb auch ›Junk-DNA‹. Allerdings weisen die nichtcodierenden Abschnitte deutlich größere Unterschiede auf, was sie für die Identifizierung in der DNA-Forensik so besonders interessant macht. Forensiker analysieren also nicht die gesamte DNA sondern konzentrieren sich meist auf kurze,

Methoden der DNA-Analyse

DNA-Profiling - ist eine Methode, mit der Muster innerhalb der DNA eines Individuums verwendet werden können, um ein DNA-Profil zu erstellen. Dieses wird oft als Diagramm mit ›Peaks‹ visualisiert. Die Methoden, die zur Erstellung eines DNA-Profils verwandt werden, variieren je nach Art, Zustand und Menge der verfügbaren DNA-Spur und der jeweiligen Ermittlungsfrage.

STR-Profiling - ist die am häufigsten angewandte Methode zur Erstellung von DNA-Profilen, bei der hoch repetitive DNA-Regionen, sogenannte Short Tandem Repeats, die in der menschlichen DNA vorkommen, verwendet werden. Jeder Marker enthält zwei Repeats, die sich nach der Länge der Wiederholungssequenzen in Zahlen ausdrücken lassen.

Y-Chromosomen-Analyse - nutzt die genetische Information auf dem Y-Chromosom (das nur Männer haben). Es ist nützlich bspw. bei Sexualdelikten, bei denen männliche und weibliche DNA vermischt sind, da nur das männliche Muster bei der Analyse auftaucht. Das Y-Chromosom wird nur vom Vater an den Sohn vererbt, was bedeutet, dass alle männlichen Verwandten auf der väterlichen Seite einer Familie normalerweise das gleiche Y-Chromosom haben.

Mitochondriale DNA-Analyse - verwendet DNA aus den Mitochondrien, winzigen Energiefabriken, die sich im Inneren aller menschlichen Zellen befinden. Mitochondriale DNA (mtDNA) ist häufiger vorhanden als andere Arten von DNA und ist bspw. dann sinnvoll, wenn das Spurenmaterial eingeschränkt ist (z.B. wenn Zellen durch Umwelteinflüsse wie Hitze, Licht oder Wasser beschädigt wurden). MtDNA wird von der Mutter geerbt, so dass alle Verwandten in der mütterlichen Linie einer Familie die gleiche mtDNA haben.

SNP-Analyse - bezeichnet die Erkennung winziger Variationen in der DNA, sog. Single-Nukleotid-Polymorphismen. Da SNPs kleiner sind und in jeder Zelle häufiger vorkommen als STRs, kann die SNP-Analyse nützlich sein, wenn die DNA stark zersetzt ist.

Low Template-DNA-Analyse - bezeichnet eine Reihe von Techniken (z.B. Low-Copy-Number-Analyse), die zur Erstellung eines DNA-Profils aus sehr kleinen Mengen von Tatort-DNA verwendet werden.

Biogeografische Herkunftsbestimmung - ist eine Technik, die es ermöglicht, die grobe geografische Herkunft einer Person (z.B. Afrika, Westeurasien, Ostasien, Südasien) zu schätzen. Dabei werden DNA-Marker ausgelesen, die in verschiedenen Teilen der Welt mehr oder weniger häufig vorkommen.

Forensische DNA-Phänotypisierung - verwendet DNA, um Aussagen über das Aussehen einer Person zu treffen (z.B. Haar- oder Augenfarbe). Dabei werden DNA-Marker aus Bereichen verwendet, die Informationen über das individuelle Erscheinungsbild des einzelnen Menschen enthalten.

Next-Generation-Sequencing - beschreibt eine Reihe neuer DNA-Sequenzierungstechnologien, bei denen sensible Tests gleichzeitig durchgeführt werden können – d.h. man kann gleichzeitig STR-Profiling, biogeographische Abstammungstests und Phänotypisierungstests durchführen. Ihr Einsatz in der forensischen Wissenschaft steckt noch in den Kinderschuhen, aber in Zukunft sollten sie es ermöglichen, mehr Informationen aus forensischen DNA-Proben zu gewinnen, z.B. um bei Mischproben die Unterscheidung zwischen einzelnen Beteiligten zu erleichtern.

RNA-Analyse - ist ein relativ neues Verfahren, dass sich nicht der in den Zellen enthaltenen DNA bedient, sondern der RNA, die als Informationsträger die in der DNA kodierte Information weiterträgt. Während die DNA statisch ist – in praktisch allen Zellen identisch vorkommt und sich nicht verändert –, ist die RNA je nach Organ und Zelle unterschiedlich und verändert sich beständig. Im Unterschied zur DNA verrät die RNA daher nicht ausschließlich die Identität (oder Nichtidentität) zweier Profile, sondern gibt wichtige zusätzliche Auskünfte über die Tatortspur, bspw. über die Zellarten, Entwicklungsstadien und Zeitabläufe, bestimmte physiologische Zustände (bspw. Schwangerschaft) etc.

hochvariable Regionen ›repetitiver DNA‹, den sogenannten Short Tandem Repeats oder STRs. Diese unterscheiden sich je Individuum in der Länge und können als genetische Marker verwendet werden, um ein DNA-Profil zu erstellen.

repetitive DNA: bezeichnet jene Bereiche der DNA, deren Sequenz aus sich wiederholenden Abschnitten besteht.

genetische Marker: eindeutig identifizierbare, kurze DNA-Abschnitte.

Bei einem vollständigen DNA-Profil werden Marker an mindestens 16 Stellen (Loci) plus einem Geschlechtsmarker untersucht. Diese werden als eine Reihe von ›Peaks‹ auf einem Graphen visualisiert, deren Position der Länge der STR entspricht und als Zahl aufgezeichnet wird. Jeder Locus hat zwei STRs (weil wir eine Version von unserer Mutter und eine von unserem Vater erben), was bedeutet, dass das genetische Profil einer Person als eine Reihe von Ziffern dargestellt werden kann, z.B. 14/18, 13/15, 9/9, 5/8. Jedes Ziffernpaar entspricht immer einer bestimmten Stelle auf einem Chromosom. Das Ergebnis gleicht gewissermaßen einer Lottozahl.

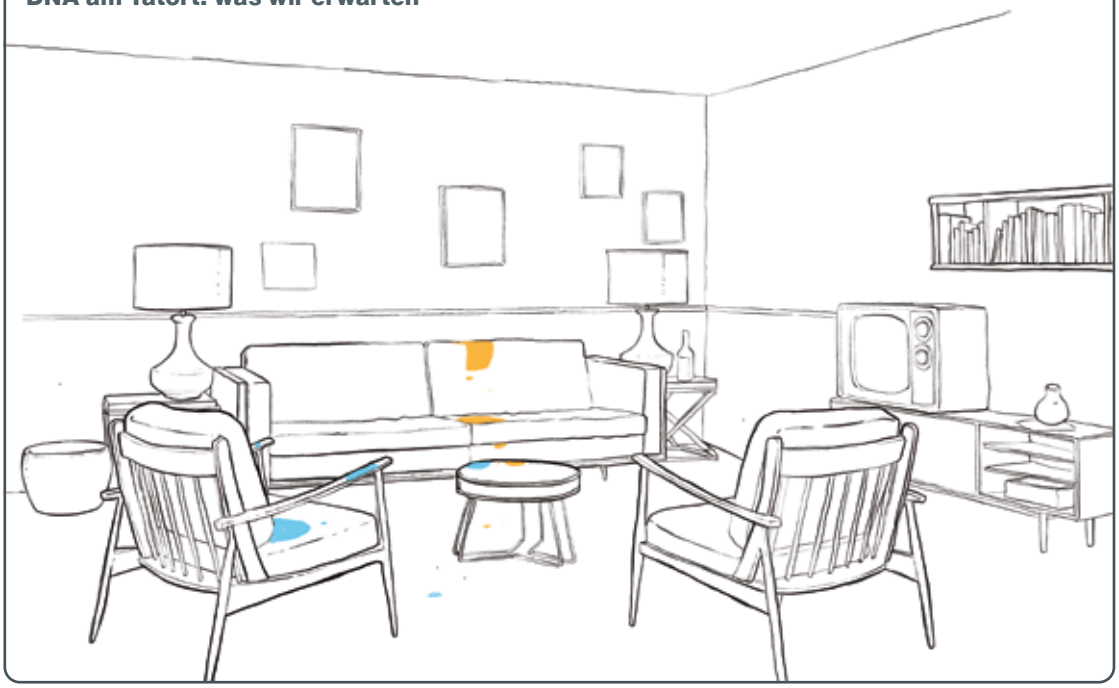
Sobald ein DNA-Profil aus einer Tatortprobe erstellt wurde, kann es mit anderen Profilen verglichen werden, wie z.B. DNA von anderen Tatorten (z.B. mit einem Abstrich von einer biologischen Spur), der DNA des Verdächtigen oder mit DNA-Profilen innerhalb der BKA DNA-Datenbank. Wenn die beiden Profile identisch sind, wird dies als vollständige Übereinstimmung bezeichnet; wenn Teile der Profile übereinstimmen, handelt es sich um eine Teilübereinstimmung. Sobald eine Übereinstimmung gefunden wurde, kann die Wahrscheinlichkeit der Identifizierung berechnet werden.

dna-spuren am tatort

Wie kommt die DNA dorthin?

DNA ist praktisch überall und kommt auch überall hin. Neben den offensichtlicheren Methoden der DNA-Übertragung, einschließlich Blutstropfen oder Spermaablagerungen, können kleine Mengen von DNA auch über Speicheltröpfchen beim Sprechen, Niesen, durch Hautschuppen, die in den Hausstaub fallen, oder durch Rückstände auf Oberflächen, die wir berühren, ihren Weg auf andere Menschen, an andere Orte und an andere Gegenstände finden. Im Durchschnitt verliert ein Mensch pro Tag etwa 50 Millionen Hautzellen. Wir versprühen ständig Spucke, die voller DNA ist. Wenn wir nur für einen Moment stillstehen und sprechen, kann unsere DNA noch mehr als einen Meter entfernt nachgewiesen werden, mit einem beherzten Nieser verteilen wir sie auf einer ganzen Wand.

DNA am Tatort: was wir erwarten



DNA am Tatort: was wir vorfinden

DNA ist überall. An einem Tatort kann sich daher die DNA von Menschen befinden, die nichts mit der Tat zu tun haben, die vor oder nach der Tat am Tatort waren oder deren DNA per Transfer an den Tatort übertragen wurde. **Jede Farbe in der Grafik steht für die DNA einer unterschiedlichen Person.**

DNA-Belastung

Um eine Vorstellung vom Ausmaß der DNA-»Belastung« unserer Umwelt zu bekommen, untersuchten niederländische Wissenschaftler 105 ›öffentliche‹ Gegenstände – Treppengeländer, Türgriffe an öffentlichen Toiletten, Griffe von Einkaufskörben, Münzen. An 91 Prozent der Gegenstände fand sich die menschliche DNA von mitunter einem halben Dutzend unterschiedlicher Personen. Selbst an eher intimen Stellen, wie die Achselhöhlen von Hemden, fand sich fremde DNA.

(van den Berge et altera: Prevalence of human cell material: DNA and RNA profiling of public and private objects and after activity scenarios, in: Forensic Science International, Genetics, 2016, 81-89. - https://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973(15)30108-3/fulltext)

Bild: 'Der Tod des Jean Paul Marat' (1793) von Jacques-Louis David. Gezeigt wird der Jakobiner Jean Paul Marat, der von der Girondistin Charlotte Corday mit einem Messer getötet wurde. Marat, der wegen einer Hautkrankheit täglich stundenlang in der Badewanne verbrachte, wurde von Corday getötet, weil sie ihn für den Terreur gegen die Girondisten verantwortlich machte. Auf Davids Darstellung hält Marat den Brief Charlotte Cordays noch in der Hand, den sie ihm übergeben wollte. Corday wurde nur wenige Tage nach der Tat guillotiniert.

Wenn man bedenkt, wie leicht DNA übertragen werden kann, dann wird klar, dass unsere DNA durchaus in einem Raum gefunden werden könnte, in dem wir selbst niemals waren.
Wenn DNA an einem Ort gefunden wird, könnte sie vorhanden sein, weil:

(a) wir dort waren;

(b) wir einen Gegenstand berührt haben, der später von einer anderen Person an den Ort getragen wurde (z.B. ein Kleidungsstück);

(c) wir einer Person begegnet sind, die kurz darauf etwas an der Stelle berührt und dabei versehentlich unsere DNA dort hinterlassen hat.

Und selbst wenn wir dort gewesen sind, so bedeutet dies noch nicht, dass wir es zum relevanten Zeitpunkt waren. Möglicherweise haben wir unsere DNA bereits zu einem früheren Zeitpunkt dort ›abgelegt‹.

Das gilt auch für Orte an denen oder Gegenstände mit denen Straftaten begangen wurden. Die Identifizierung eines DNA-Profils besagt im ersten Schritt nur, dass mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit die DNA einer bestimmten Person an einem bestimmten Ort oder Gegenstand gefunden wurde. Sie sagt für sich genommen noch nichts darüber aus, wie oder wann diese DNA dorthin gelangt ist und reicht daher als Schuldbeweis alleine nicht aus.

Im idealen Modellfall finden Ermittler an einem Tatort eine eindeutige DNA-Spur, die sich einem Tatverdächtigen einwandfrei zuordnen lässt. In einem sauberen Raum liegt eine Leiche mit einem Messer in der Brust, an dem sich die DNA des Tatverdächtigen findet. In Wirklichkeit aber ist die Welt ein chaotischer Ort, voller Dinge und zum Bersten voll mit DNA. Das ist an Tatorten nicht anders; sie sind niemals klinisch sauber, sondern voller DNA. DNA wird außerdem selten in ordentlichen Paketen und von einer einzigen Person hinterlegt. Spuren überlagern sich, eine folgt auf die andere, sie sind zu unterschiedlichen Zeitpunkten und auf unterschiedliche Weise an den Tatort gelangt, stammen von unterschiedlichen Körperzellen und sind in unterschiedlicher Weise vollständig oder fragmentiert. Tatortproben enthalten oft die DNA von zwei oder mehr Personen; hier spricht man von Mischspuren (s.u.). Da DNA überall hinkommt, sind alle Tatort-DNA-Proben potenzielle Mischungen.

Je genauer und feiner die technischen Analysemethoden werden, je kleiner die benötigte Menge an DNA-Spur, desto mehr unterschiedliche DNA lässt sich auffinden und analysieren und desto größer ist damit zugleich die Gefahr einer ›falschen‹ DNA-Identifizierung. Denn nicht jede DNA, die an einem Tatort gefunden wird, steht zwangsläufig in Verbindung zu der dort begangenen Straftat.

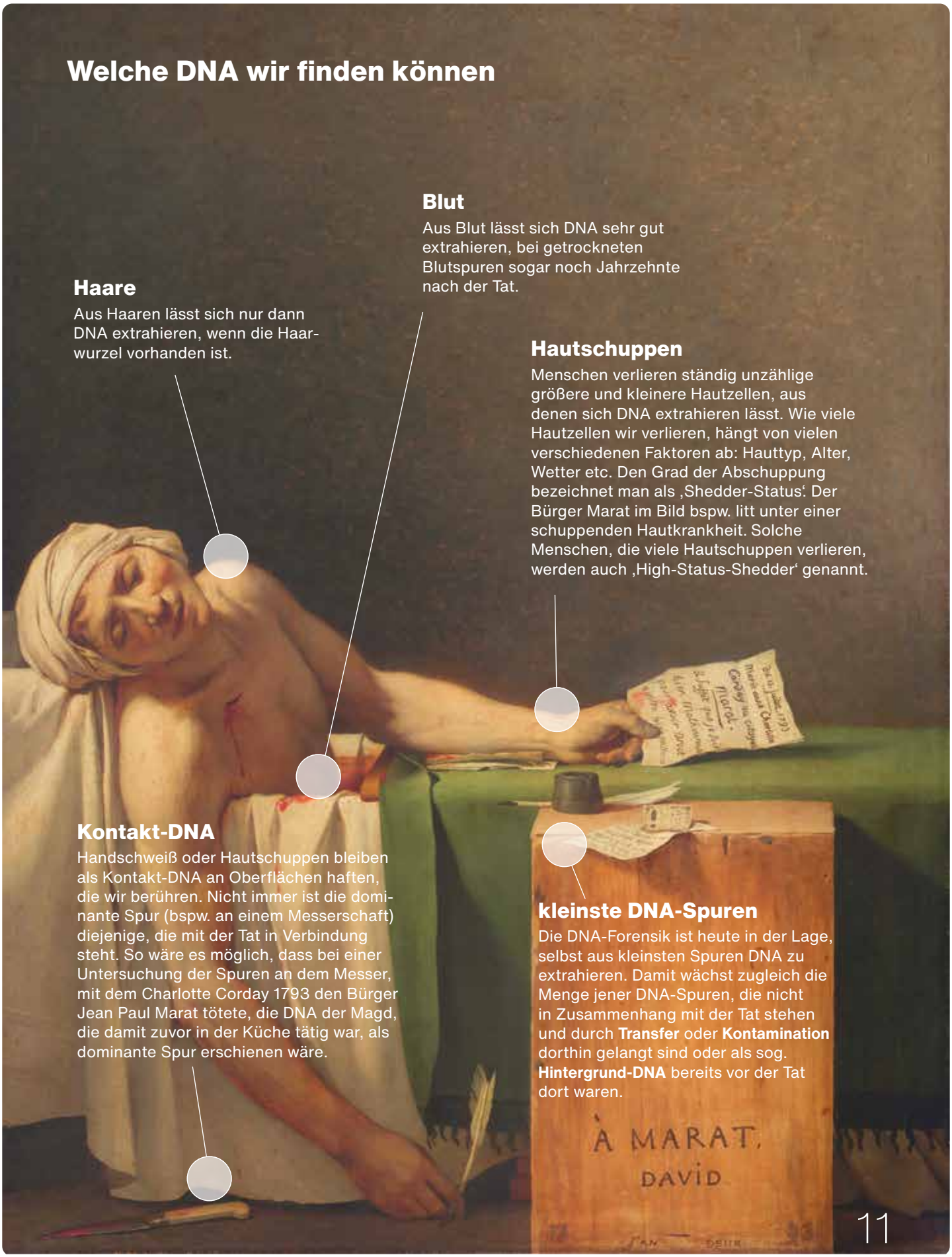
Bei ›Fremd‹-DNA wird in der Forensik in der Regel zwischen drei Varianten unterschieden:

(1) Hintergrund-DNA;

(2) sekundärer (und tertiärer) DNA-Transfer;

(3) und Kontamination.

Welche DNA wir finden können



Haare

Aus Haaren lässt sich nur dann DNA extrahieren, wenn die Haarwurzel vorhanden ist.

Blut

Aus Blut lässt sich DNA sehr gut extrahieren, bei getrockneten Blutspuren sogar noch Jahrzehnte nach der Tat.

Hautschuppen

Menschen verlieren ständig unzählige größere und kleinere Hautzellen, aus denen sich DNA extrahieren lässt. Wie viele Hautzellen wir verlieren, hängt von vielen verschiedenen Faktoren ab: Hauttyp, Alter, Wetter etc. Den Grad der Abschuppung bezeichnet man als ‚Shedder-Status'. Der Bürger Marat im Bild bspw. litt unter einer schuppenden Hautkrankheit. Solche Menschen, die viele Hautschuppen verlieren, werden auch ‚High-Status-Shedder' genannt.

Kontakt-DNA

Handschweiß oder Hautschuppen bleiben als Kontakt-DNA an Oberflächen haften, die wir berühren. Nicht immer ist die dominante Spur (bspw. an einem Messerschaft) diejenige, die mit der Tat in Verbindung steht. So wäre es möglich, dass bei einer Untersuchung der Spuren an dem Messer, mit dem Charlotte Corday 1793 den Bürger Jean Paul Marat tötete, die DNA der Magd, die damit zuvor in der Küche tätig war, als dominante Spur erschienen wäre.

kleinste DNA-Spuren

Die DNA-Forensik ist heute in der Lage, selbst aus kleinsten Spuren DNA zu extrahieren. Damit wächst zugleich die Menge jener DNA-Spuren, die nicht in Zusammenhang mit der Tat stehen und durch **Transfer** oder **Kontamination** dorthin gelangt sind oder als sog. **Hintergrund-DNA** bereits vor der Tat dort waren.

›Fremd‹-DNA: Hintergrund-DNA, sekundärer Transfer & Kotamination

Die **Kontamination** mit Fremd-DNA geschieht durch Ermittlungsbeamte oder während der Untersuchung und Analyse der Spuren und ist ein klassischer Untersuchungsfehler. Bei der Hintergrund-DNA und dem DNA-Transfer hingegen resultieren Fehler lediglich aus der Interpretation des gefundenen Materials durch Ermittler und Gericht (falsche Schlusswahrscheinlichkeit).

Hintergrund-DNA wurde vor der Tat ›abgelegt‹ und steht in keinem Zusammenhang mit ihr. Viele der von Ermittlern am Tatort gesammelten Spuren sind Hintergrundspuren, die bereits dort waren, bevor eine Tat begangen wurde – bspw. durch andere Personen im gleichen Haushalt.

Eine kanadische Studie über die Haltbarkeit von DNA aus Spermaspuren auf gewaschener Kleidung bspw. fand 2016 (als Nebenergebnis) heraus, dass die DNA von Vätern regelmäßig auf der frischgewaschenen Unterwäsche ihrer Töchter gefunden werden konnte (mitunter sogar mit Fragmenten von Sperma) – einzig, weil sie ihre Kleidung in einer Waschmaschine zusammen mit der ihrer Kinder wuschen.*

* Noël et altera: DNA transfer during laundering may yield complete genetic profiles, Forensic Science International 2016, Genetics, 240-247 https://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973%2816%2930073-4/fulltext)

›**DNA-Transfer**‹ bezeichnet generell die Übertragung von DNA auf Gegenstände oder Personen – eine Person trinkt Wein und hinterlässt DNA am Glas. Beim sekundären DNA-Transfer werden DNA-Spuren, die an einem anderen Ort von anderen Personen aufgenommen wurden (bspw. durch Berührung) durch eine Mittelsperson an den Tatort getragen (eine Person trinkt Wein und hinterlässt am Glas auch die DNA einer weiteren Person, der sie zuvor die Hand geschüttelt hat). Der tertiäre Transfer verläuft über eine zusätzliche Mittelsperson.

Das Problem liegt auf der Hand: Jede DNA-Spur ist durch irgendeine Art von Transfer auf den Spurenträger gelangt. Für die Frage nach der Tatschuld aber ist entscheidend, ob es sich bei der DNA-Spur um das Ergebnis eines direkten Transfers oder aber um einen sekundären oder tertiären Transfer handelt (eingeschleppte DNA). Dies wiederum ist eine Frage der Interpretation der Spur im Kontext des mutmaßlichen Tatgeschehens. Und hier wird die Sache schwierig – und fehleranfällig.

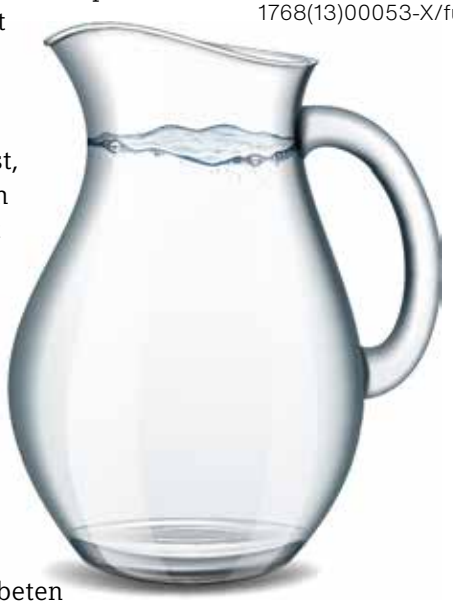
Eine ganze Reihe von Untersuchungen hat sich in den vergangenen Jahren dem Problem des DNA-Transfers gewidmet,* eine gesicherte Methode, mit der die Wahrscheinlichkeit bestimmt werden kann, ob es sich bei einer Spur um einen sekundären oder tertiären Transfer handelt, aber existiert bis dato nicht. Sicher aber ist, dass der sekundäre Transfer kleinster DNA-Spuren eher Regel als Ausnahme ist und mit immer feineren Analysemethoden auch immer mehr Spuren ausgelesen werden können, die über verschiedene Wege per (sekundärem oder tertiärem) Transfer von außen eingebracht worden sind.

* Eine Übersicht geben Gosch und Courts: Gosch/Courts: On DNA transfer: The lack and difficulty of systematic research and how to do it better. Forensic Science International 2019, Genetics, 24-36.

das transferproblem

2013 führte der Forensiker van Oorschot einen Versuch durch, bei dem drei Versuchspersonen an einen Tisch gesetzt wurden und sich einen Krug Saft teilten. Nach 20 Minuten Unterhaltung und Safttrinken wurden Abstrich-Proben von ihren Händen, den Stühlen, dem Tisch, dem Krug und den Gläsern genommen. Der Saftkrug war von allen Probanden wenigstens einmal berührt worden. Entsprechend fanden sich praktisch von allen DNA-Spuren am Griff des Kruges. Obwohl sie sich nicht gegenseitig berührt hatten, fanden sich bei einem Drittel von ihnen Spuren der DNA anderer Probanden auch an den Handinnenflächen. Auf einem Drittel der Gläser wurden DNA-Spuren von Probanden nachgewiesen, die diese Gläser weder angefasst, noch aus ihnen getrunken hatten. Zusätzlich fand sich auch noch ›fremde‹ DNA, die keinem der Probanden zugeordnet werden konnte. Diese ›Fremd-DNA‹ fand sich auf etwa der Hälfte der Stühle und Gläser sowie an allen Händen und auf der Tischplatte. Die einzige Erklärung war: Die Versuchsteilnehmer hatten unwillentlich ›fremde‹ DNA mitgebracht – möglicherweise von einem Kuss am Morgen, von einem Fremden, mit dem sie sich gemeinsam am Haltegriff im Bus festhielten oder von dem Kellner, der ihnen den Nachmittagskaffee serviert hatte.*

* Goray/van Oorschot: **DNA transfer during social interactions**, Forensic Science International, 2013 - https://www.fsigenetics-sup.com/article/S1875-1768(13)00053-X/fulltext



2016 führte die amerikanische Forensikerin Cynthia Cale einen Versuch durch,* bei dem jeweils zwei Probanden gebeten wurden, zuerst für zwei Minuten die Hände zu schütteln und dann ein Messer in die Hand zu nehmen. In 85 % der Fälle wurde die DNA der jeweils anderen Person auf das Messer übertragen. In 20 % der Fälle identifizierte die DNA-Analyse die jeweils andere Person zudem als den hauptsächlichen oder sogar einzigen Spurenleger. Der sekundäre Transfer hatte also nicht nur die DNA einer anderen Person übertragen, sondern in einem Fünftel der Fälle die desjenigen, der das Messer hielt, als primäre Spur verdrängt.

* Cale, et al: **Could Secondary DNA Transfer Falsely Place Someone at the Scene of a Crime?**, in: Journal of Forensic Sciences, 2016, 196.

Um Aussagen darüber treffen zu können, ob eine Tatortspur möglicherweise per sekundärem oder tertiärem Transfer eingebracht wurde, stützen sich Forensiker auf unterschiedliche Variablen. So weiß man, dass Menschen je nach Alter, Geschlecht oder Hautzustand (›Shedder Status‹) DNA in unterschiedlicher Menge absondern. Menschen, die viele Hautzellen absondern – möglicherweise aufgrund einer Hauterkrankung wie Ekzem, Dermatitis, Schuppen oder sogar Sonnenbrand – sind als »High-Status-Shedder« bekannt und deponieren mit größerer Wahrscheinlichkeit DNA. Umgekehrt ist ein »Low Status Shedder« weniger wahrscheinlich, DNA zu deponieren. Aber nicht jeder tut dies in der gleichen Geschwindigkeit und es wird auch

innerhalb der gleichen Person zu verschiedenen Zeiten variieren. Die Wahrscheinlichkeit eines sekundären Transfers variiert weiter mit der Art und der Intensität des möglichen Kontaktes, hängt ab von der Oberfläche des Kontaktmaterials und den Bedingungen (Temperatur, Feuchtigkeit, mikrobieller Bewuchs) usw..

Die Vielzahl der Variablen, die sich wiederum gegenseitig beeinflussen, machen deutlich, wie schwer es ist, eine zuverlässige Aussage über Transfer-Wahrscheinlichkeiten zu treffen. In der Forensik wird daher u.a. eine Berechnung mittels eines sog. Bayesschen Netzes diskutiert, bei dem Zufallsvarianten mit den Abhängigkeiten voneinander verknüpft werden. Letztlich handelt es sich aber auch dabei um ein rechnerisches Modell zur Bestimmung komplexer Wahrscheinlichkeiten. Einer der führenden Forensiker in Deutschland, Prof. Dr. Cornelius Courts aus Kiel, kommt daher zu dem Schluss:

> »Obwohl DNA-Transfer durchaus emsig beforscht wird und es inzwischen hunderte Studien dazu gibt, sind die vorhandenen Forschungsergebnisse gerade leider nicht sehr gut geeignet, um DNA-Transfer besser zu verstehen und schon gar nicht, um einen Sachverständigen vor Gericht in die Lage zu versetzen, eine Frage zur Wahrscheinlichkeit oder Plausibilität eines konkreten Transferszenarios zu beantworten.«*

* https://scienceblogs.de/bloodnacid/2019/08/01/dna-transfer-teil-1-wo-das-problem-liegt/

Kontamination

Kontamination mit DNA durch Ermittlungsbeamte oder andere am Ermittlungs- und Analyseprozess Beteiligte stellt ein ernsthaftes Problem dar. DNA ist beweglich und weder gut gesicherte Tatorte noch Labore sind vor ihr sicher. DNA-Kontamination kann über Labormaterial geschehen, über Handschuhe oder winzige Anhaftungen an Schutzausrüstung.

Um der Kontamination mit Fremd-DNA vorzubeugen, hat die Spurenkommission Empfehlungen formuliert.* Wie schwer es trotz aller darin formulierten Maßnahmen dennoch ist, DNA-Kontamination auszuschließen, zeigt eine Studie des britischen Forensikers Peter Gill von 2016, der auf 3/4 der untersuchten Instrumente zur Spurensicherung am Tatort (Kameras, Maßbänder, Handschuhe) Fremd-DNA fand.* Eine andere Untersuchung fand Streu-DNA selbst in den sichersten Bereichen von Laboren. Bei der Untersuchung der Handakten in Laboren stellten sie fest, dass 75 % DNA-Spuren von Personen aufwiesen, die diese Akten niemals berührt hatten.*

* Spurenkommission 2006: https://www.gednap.org/de/spurenkommission/aktuelle-projekte/bewertung-von-dna-mischspuren/; Schneider et altera: **Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren**, in: Rechtsmedizin 2006, 401 - 404

* Gill et altera: **Contamination during criminal investigation: Detecting police contamination and secondary DNA transfer from evidence bags**, in: Forensic Science International, Genetics, 2016, 121 - 129

* Taylor et altera: **Observations of DNA transfer within an operational Forensic Biology Laboratory**, in: Forensic Science International, Genetics, 2016, 33 - 49

Das Phantom von Heilbronn

Der hierzulande wohl spektakulärste Fall von DNA-Kontamination ist unter dem Namen ›**Phantom von Heilbronn**‹ bekannt. Er ist zugleich ein anschauliches Beispiel dafür, wie aus einer fehlerhaften DNA-Spur falsche Ermittlungshypothesen erwachsen. Wattestäbchen, die zur Spurensicherung an verschiedenen Tatorten in mehreren Ländern benutzt wurden, waren bei der Produktion mit winzigen Spuren der DNA einer Arbeiterin kontaminiert worden. Die vorgenommenen DNA-Analysen förderten daher überall ein übereinstimmendes DNA-Profil einer unbekannten weiblichen Person (»uwP«) zutage. Aufgrund der unterschiedlichen Tatorte, an denen das DNA-Profil nachgewiesen wurde, sowie aufgrund der gänzlich verschiedenen Taten, gingen die Ermittler von einer sehr mobilen, hochkriminellen Täterin aus. Eine erweiterte DNA-Analyse, die vom Rechtsmedizinischen Institut der Universität Innsbruck vorgenommen wurde, ergab, dass die gefundene DNA »gehäuft in Osteuropa und im Gebiet der angrenzenden Russischen Föderation« auftritt. Daraus schlossen die Ermittler auf eine Täterin aus dem Kreise der Sinti und Roma. Wie sich später herausstellte, wurde eine der Taten, der Mord an der Polizistin Michèle Kiesewetter, von der Neonazigruppe NSU verübt.

vgl. *Anna Lipphardt*, Das Phantom von Heilbronn, in: Freispruch, Heft 11, 2017

Die Spur des Phantoms

Die DNA des ›Phantoms‹ wurde u.a. festgestellt an einer Tasse nach der Tötung einer 62-Jährigen am 25./26. Mai 1993 in Idar-Oberstein (DNA-Analyse 2001); an Küchenschubladen nach der Tötung eines 61-Jährigen am 24. März 2001 in Freiburg im Breisgau; an einer Spritze mit Heroin im Oktober 2001 in einem Waldstück in Gerolstein; auf einem Keksrest in einem in der Nacht zum 25. Oktober 2001 in Budenheim aufgebrochenen Wohnwagen; auf einer Spielzeugpistole nach einem Überfall auf vietnamesische Edelsteinhändler 2004 in Arbois; auf einem Projektil nach einem Streit zwischen zwei Brüdern am 6. Mai 2005 in Worms; bei einem Einbruch am 6. Juli 2006 in eine Elektrohandlung im österreichischen Mauthausen; an einem Stein nach einem Einbruch am 3. Oktober 2006 in ein Wohn- und Geschäftshaus im Saarbrücker Stadtteil Burbach (DNA-Analyse April 2008); nach einem Einbruch im März 2007 in ein Optikergeschäft in Gallneukirchen; an einer Getränkedose nach einem Einbruch in der Nacht zum 7. Juli 2007 in eine Saarbrücker Schule durch eine Gruppe Jugendlicher (DNA-Analyse März 2009); nach 20 weiteren Einbrüchen und Auto- und Motorraddiebstählen von 2003 bis 2007 in Hessen, Baden-Württemberg, Tirol, Oberösterreich und im Saarland; an einem Auto, mit dem die Leichen von drei am 30. Januar 2008 in Heppenheim getöteten Georgiern transportiert wurden (DNA-Analyse 10. März 2008); nach einem in der Nacht zum 23. März 2008 verübten Einbruch in ein stillgelegtes Hallenbad in Niederstetten; nach vier Fällen von Homejacking in Quierschied (zweimal), Tholey und Riol im März und April 2008; nach einem Wohnungseinbruch in Oberstenfeld-Gronau in der Nacht zum 10. April 2008; nach einem Überfall auf eine Frau am Abend des 9. Mai 2008 in einem Vereinsheim in Saarhölzbach; an einer Wohnungstür nach einem Streit zwischen zwei Männern am 7. Oktober 2008 in Mannheim (DNA-Analyse Januar 2009); im Auto einer Pflegehelferin, die Ende Oktober 2008 bei Weinsberg tot aufgefunden wurde.

Mischspuren und unvollständige Profile

Reinheit ist eine menschliche Erfindung, die Natur zieht die Mischung vor. Das ist bei Tatortspuren nicht anders. Nehmen wir die bereits erwähnte, scheinbar so einfache Situation der Leiche mit dem Messer in der Brust als Beispiel: Mit hoher Wahrscheinlichkeit ist davon auszugehen, dass das Messer nicht erstmals benutzt wurde, als man es in die Brust der getöteten Person stieß, vielmehr ist es mitunter durch viele Hände gegangen, deren Spuren sich möglicherweise noch am Schaft des Messers befinden (s.o.: Hintergrund-DNA). Möglicherweise hat der Täter die DNA einer dritten Person (unwissentlich) auf den Schaft übertragen (s.o. sekundärer Transfer) oder Fremd-DNA gelangte über verunreinigte Handschuhe eines Ermittlers dorthin (s.o. Kontamination). Die Spur am Messerschaft kann daher die DNA gleich mehrerer Personen enthalten. In diesem Fall spricht man von einer Mischspur.

Die Mischspur wird in der Regel offenkundig, wenn bei der Analyse der extrahierten DNA mehr als zwei sog. Allele in mindestens zwei untersuchten Markersystemen auftreten. Bis zu vier Allele pro STR lassen entsprechend auf mindestens zwei unterschiedliche Spurenleger schließen, bei sechs Allelen pro STR auf mindestens drei usw. Je mehr Personen der DNA-Mix enthält, desto weniger sicher fallen Aussagen über die tatsächliche Anzahl der Mitwirkenden aus. Bei mehr als sechs Allelen pro Marker hält die Spurenkommission in ihren Empfehlungen zum Umgang mit Mischspuren eine Festlegung auf die Anzahl der Spurenleger für i.d.R. »nicht sinnvoll und nicht möglich«.* Ein zentrales Problem bei Mischspuren aber ist die Frage, bei welchem der Profile es sich um das des/r ›Täter*in‹ handelt. Zwar geht man i.d.R. davon aus, dass der letzte (tatrelevante) Kontakt eine dominante Spur hinterlässt. Das ist aber durchaus nicht immer der Fall. Und noch schwieriger wird es, wenn man bedenkt, dass die lediglich übertragene (sekundärer oder tertiärer Transfer) Spur bereits eine Mischspur gewesen sein kann.

* Spurenkommission 2006: https://www.gednap.org/de/spurenkommission/aktuelle-projekte/bewertung-von-dna-mischspuren/; Schneider et altera: **Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren**, in: Rechtsmedizin 2006, 401 - 404

Wie bereits gesehen wurde, trägt der technische Fortschritt bei der DNA-Forensik eine gewisse Ambivalenz in sich: Da aus immer kleineren Spuren DNA-Profile erstellt werden können, wächst die Spurenmenge insgesamt an, während die Zahl der tatrelevanten Spuren innerhalb dieser Gesamtmenge folgerichtig abnehmen muss. Anders formuliert: Je mehr genetisches Spurenmaterial am Tatort eingesammelt wird, desto größer ist die dabei erhobene Menge an nicht relevanter DNA. Zugleich steigt die Zahl der Spuren, die nicht oder nicht mehr eine vollständige DNA enthalten. Diese unvollständigen Profile sind für Mischspuren typisch, denn Mischspuren sind regelhaft nicht Blut- oder Spermaflecken, sondern Kontaktspuren (wie am Messerschaft). In der Forensik werden solche winzigen DNA-Spuren auch als ›Low-Template‹-Spuren bezeichnet.

Mischspuren sind an Tatorten eher Regel als Ausnahme. Nur bei Miss Marple liegt eine Leiche im aufgeräumten Arbeitszimmer, während die Gruppe der Tatverdächtigen bekannt ist und sich auf eine Handvoll erbberechtigter Verwandter beschränkt. Tumult und Chaos, Zufall und Missgeschick, Unüberlegtheit und eine Überfülle an DNA-Spuren sind normale Begleiter komplexer Tatverläufe. Hinzu kommt, dass eine Straftat vielfach nicht aus einem einzigen Ereignis heraus entsteht, sondern als Abfolge von Handlungen und Reaktionen. Im Bild zu sehen: Eine Messerstecherei mit etlichen Beteiligten, gemalt von Anne-Louis Girodet-Trioson (Die Revolte von Kairo, 1810).

Im Idealfall enthält eine Spur genug DNA, um ein vollständiges DNA-Profil zu erstellen (z.B. mit mindestens 16 Loci). Wenn die DNA nur in kleinen Mengen wiedergewonnen wird oder durch Temperatur, Feuchtigkeit oder etwas anderes abgebaut wurde, können einige Marker fehlen. Übrig bleiben partielle DNA-Profile. Die reduzierte Anzahl von Markern macht es deutlich schwieriger, zwischen Individuen zu unterscheiden, und die Chance, dass ein Teilprofil mit einem anderen DNA-Profil übereinstimmt, ist wesentlich höher. Denn: Je vollständiger das Profil und je mehr Loci ausgelesen werden können, desto höher ist der Grad der Individualisierung.

wahrscheinlichkeiten und biostatistische berechnungen

Die DNA-Forensik kann sehr genau sein – wenn die Spuren möglichst gut erhalten und vollständig sind. Bei Spuren von ausreichender DNA-Quantität und -Qualität werden bei der routinemäßig mit 16 DNA-Markersystemen durchgeführten Untersuchung Gesamthäufigkeiten erreicht, die um ein vielfaches seltener als der Wert von 1 in einer Billion sind.* Dennoch: Selbst bei übereinstimmenden Profilen handelt es sich um eine Wahrscheinlichkeitsaussage. Außerdem sind Tatortspuren – wie gezeigt wurde – selten perfekt. Sie enthalten häufig nicht über jeden analysierten genetischen Marker Informationen (unvollständiges DNA-Profil). Je geringer die Anzahl der genetischen Marker, aus denen sich das DNA-Profil zusammensetzt, desto größer ist das Risiko eines falschen Treffers. In der Regel werden 16 genetische Marker untersucht sowie ein Indikator für das Geschlecht. Diese Marker wurden gewählt, weil sie extrem variabel sind. Wenn ein vollständiges DNA-Profil (mit Informationen zu allen 16 Markern) vorliegt, so ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine andere, nicht verwandte Person an jeder Stelle genau die gleiche DNA-Sequenz aufweist, sehr gering. Das ändert sich, wenn einige genetische Marker fehlen oder eine Mischspur von zwei oder mehr Personen vorliegt. Angenommen also, das DNA-Profil aus einer Tatortspur wird mit Einträgen in der DNA-Datenbank des BKA verglichen und eine (vollständige oder teilweise) Übereinstimmung liegt vor, dann kann das verschiedene Gründe haben: Die DNA dieser Person war tatsächlich am Tatort; es handelt sich um das Ergebnis einer Kontamination; oder es liegt eine falsch positive Übereinstimmung vor (sprich: eine zufällige Übereinstimmung mit einer Person, die nicht am Tatort war und mit dem Tathergang nichts zu tun hatte). Beim DNA-Beweis muss daher immer auch berechnet werden, wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass die durch Übereinstimmung identifizierte Person unter Berücksichtigung der konkreten Bedingungen tatsächlich der Urheber der Tatortspur ist. Für diese Berechnung gibt es verschiedene Berechnungsmethoden.

*Schneider/Anslinger/Eckert/Fimmers/Schneider: Erläuterungen zu den wissenschaftlichen Grundlagen biostatistischer Wahrscheinlichkeitsberechnungen im Rahmen von DNA-Spurengutachten, NStZ 2013, S. 695.

Biostatistische DNA-Berechnungen

Das in der forensischen Praxis gebräuchliche PCR-Verfahren, das dazu dient, aus einer Spurenprobe sowie aus der Vergleichsprobe jeweils eine bestimmte Anzahl der in der Kern-DNA auftretenden Systeme zu identifizieren, ist inzwischen soweit standardisiert, dass dessen Anwendung nicht mehr in den Urteilsgründen dargelegt werden muss.* Der BGH hat beginnend mit Entscheidungen aus dem Jahr 2012 (BGH 3 StR 41/12 vom 06.03.2021; BGH 3 StR 46/12 v. 08.05.2012) in ständiger Rechtsprechung (BGH 1 StR 499/18 v. 06.02.2019) die Maßstäbe für die Darstellung der Ergebnisse der auf einer molekulargenetischen Vergleichsuntersuchung beruhenden Wahrscheinlichkeitsberechnung in den Urteilsgründen definiert. Für Strafverteidiger*innen, die in der Praxis sehr häufig mit scheinbar hundertprozentigen DNA-Beweisen konfrontiert sind, eröffnen sich hier Verteidigungsmöglichkeiten.

* Schneider/Anslinger/Eckert/Fimmers/Schneider: **Erläuterungen zu den wissenschaftlichen Grundlagen biostatistischer Wahrscheinlichkeitsberechnungen im Rahmen von DNA-Spurengutachten**, NStZ 2013, S. 693, 694 m. w. N.

Berechnungsgrundlagen

Liegen übereinstimmende DNA-Merkmalsmuster bei einer am Tatort aufgefundenen Spur und einer Vergleichsspur vor, so stellt sich zunächst die Frage, ob es sich um eine zufällige Übereinstimmung handelt oder ob diese Übereinstimmung darauf beruht, dass die Spur tatsächlich von der Vergleichsperson verursacht wurde. Zur Beantwortung dieser Frage wird die Häufigkeit des in der Spur sowie bei der Vergleichsspur erhaltenen Merkmalsmusters in einer entsprechenden Vergleichspopulation abgeschätzt. Hierfür kommt eine Berechnung zur Anwendung, die auf den britischen Mathematiker G. H. Hardy und den deutschen Arzt W. Weinberg zurückgeht und daher als ›Hardy-Weinberg-Gleichgewicht‹ bekannt ist.*

* Vertiefend Schneider/Anslinger/Eckert/Fimmers/Schneider; NStZ 2013, S. 693 ff.

Strafverteidiger*innen sind in der Regel nicht zugleich auch Mathematiker, die behauptete Wahrscheinlichkeiten schnell mal eben nachrechnen. Das ist auch kaum möglich. Die Forensik bedient sich zur Durchführung der umfangreichen Berechnung der entsprechenden Wahrscheinlichkeiten in der Regel besonderer Computerprogramme.

Die Verteidigung muss daher vor allem prüfen, ob sich eine Spur überhaupt zur biostatistischen Berechnung eignet.

Prüfkriterien zur Geeignetheit

Spurenqualität

Eine biostatistische Berechnung kann nur mit einer Spur durchgeführt werden, die in allen Merkmalssystemen belastbare und sich nicht widersprechende Analyseergebnisse hat. Minimalspuren oder degradiertes Spurenmaterial sind für einen statistischen Vergleich nicht geeignet.* Die Merkmalssysteme aus qualitativ minderwertigem Spurenmaterial müssen gekennzeichnet und von einer statistischen Berechnung ausgenommen werden.

* **Gemeinsame Empfehlung der Projektgruppe ‚Biostatistische DNA-Berechnungen' und der Spurenkommission zur biostatistischen Bewertung von DNA-Analytischen Befunden**, 2016 (Ulbrich et al. NStZ 2017, 135 ff) mit vertiefenden Erläuterungen.

Anzahl der Spurenleger

Bezüglich jeder Spur muss aus dem Gutachten ersichtlich sein, welche Mindestanzahl von Spurenverursachern in der analysierten Spur vorhanden sind. Von einer Mischspur ist auszugehen, wenn in mindestens zwei Merkmalssystemen mehr als zwei Allele nachgewiesen werden. Mit steigender Anzahl an Spurenverursachern sinkt in der Regel die Spurenqualität. Sofern in einer Spur oder in der abgrenzbaren Hauptkomponente mehr als drei Personen zu postulieren sind, sollte von einer biostatistischen Berechnung abgesehen werden.*

* Gemeinsame Empfehlung der Projektgruppe ‚Biostatistische DNA-Berechnungen' und der Spurenkommission zur biostatistischen Bewertung von DNA-Analytischen Befunden, 2016

Abgrenzbare Hauptkomponente

Bei einer Mischspur ist zunächst zu klären, ob eine ›abgrenzbare Hauptkomponente‹ vorliegt. Diese kann aus Merkmalen einer oder mehreren Personen bestehen. Auf Grund der sich weiter entwickelnden Analysemethoden liegen in der forensischen Praxis vermehrt komplexe Spurenbilder vor. Strafverteidiger*innen werden sich bei Mischspuren deshalb in Zukunft mehr mit der Problematik beschäftigen müssen, ob bei der Spur von einer abgrenzbaren Hauptkomponente gesprochen werden kann. Dies ist nur der Fall, wenn die Gesamtschau aller Elektropherogramme dies zulässt.*

* Gemeinsame Empfehlung der Projektgruppe ‚Biostatistische DNA-Berechnungen' und der Spurenkommission zur biostatistischen Bewertung von DNA-Analytischen Befunden, 2016

Berechnungen

Eignet sich eine Spur zur biostatistischen Berechnung, erfolgt der Abgleich mit dem vorliegenden Vergleichsmuster. Hier bieten sich grundsätzlich zwei Arten statistischer Berechnung an:

Die einfachste Möglichkeit ist die Berechnung der Übereinstimmungswahrscheinlichkeit. Sie geht der Frage nach, wie selten ein DNA-Profil in einer Population von zufälligen, nicht verwandten Personen ist. Aber Vorsicht: Die Übereinstimmungswahrscheinlichkeit ist keine Schuld- oder Unschuldswahrscheinlichkeit. Wenn ein DNA-Profil vom Tatort mit der DNA eines Verdächtigen übereinstimmt und die Berechnung der Übereinstimmungswahrscheinlichkeit ergibt, dass diese bei eins zu 100 Millionen liegt (also eine sehr geringe Wahrscheinlichkeit, dass die DNA von einer *anderen* Person stammt), so bedeutet dies eben nicht, dass die Unschuldswahrscheinlichkeit bei eins zu 100 Millionen liegt.

Die Berechnung der Übereinstimmungswahrscheinlichkeit stößt in der Praxis schnell an ihre Grenzen, spätestens aber dann, wenn Mischspuren vorliegen oder Informationen über einige der genetischen Marker fehlen. Dann sollte – wie vom European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI)* insgesamt empfohlen – die sog. **Likelihood Ratio** berechnet werden.

* ENFSI Guideline for Evaluative reporting in forensic science. http://www.enfsi.eu/news/enfsi-guideline-evaluative-reporting-forensic-science.

Vereinfacht dargestellt wägt die Likelihood Ratio die Befunde jeweils zugunsten konkurrierender Hypothesen ab. Es wird also unter der Voraussetzung sich widersprechender Hypothesen die jeweilige Wahrscheinlichkeit errechnet, mit der eine Annahme zutreffend sein kann.

Wurde bspw. ein DNA-Profil aus einer Blutspur extrahiert und die in der Spur nachgewiesenen DNA-Merkmale stimmen in den vergleichbaren Merkmalsystemen mit der verdächtigten Person X überein, so würden die biostatistische Bewertung wie folgt vorgehen:

(1) Hypothese 1: Die DNA-Merkmale stammen von der verdächtigen Person X.
Angenommen, das Blut stammt von dem/der Verdächtigten, wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit einer Übereinstimmung?

(2) Hypthose 2: Die DNA-Merkmale stammen *nicht* von der verdächtigen Person X.
Angenommen, das Blut stammt von einer anderen Person, wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, eine Übereinstimmung zu sehen?

Ein Wahrscheinlichkeitsverhältnis erhält man, indem die berechneten Werte der ersten Hypothese durch diejenigen der zweiten dividiert werden. Wenn die Antwort größer ist als eins, so spricht dies für Hypothese 1, ist sie kleiner, so unterstützt dies Hypothese 2.

Die ENFSI empfiehlt hierzu folgende Bewertung:

Ratio	**Einschätzung**
1	... stützt Hypothese 1 nicht
2-10	... schwache Wahrscheinlichkeit für Hypothese 1
10-100	... mäßige Wahrscheinlichkeit für Hypothese 1
100-1.000	... mäßig starke Wahrscheinlichkeit für Hypothese 1
1.000-10.000	... starke Wahrscheinlichkeit für Hypothese 1
10.000-1 Million	... sehr starke Wahrscheinlichkeit für Hypothese 1
über 1 Million	... extrem starke Wahrscheinlichkeit für Hypothese 1*****

Dies gilt natürlich nur, sofern eine Festlegung eindeutiger und sinnvoller Hypothesen möglich ist. Für die Formulierung der jeweiligen Hypothesen soll jeweils die kleinste Anzahl möglicher Spurenleger angenommen werden, die notwendig ist, um die DNA-Merkmale der Spur unter der jeweiligen Hypothese zu erklären.*****

Die Berechnung einer Likelihood Ratio erlaubt es, im Gegensatz zu anderen Berechnungsansätzen, den Beweiswert des DNA-Befundes im Bezug zu konkreten Personen zu setzen, z.B. individuelle Vergleichsmuster sowohl des Tatverdächtigen als auch eines Geschädigten können in die Berechnung mit einbezogen werden. Sie ermöglicht darüber hinaus, Wahrscheinlichkeitsverhältnisse für alternative Erklärungsszenarien darzustellen.

Dies schlägt sich in den Gutachten durch folgende Formulierungen nieder:

Die ENFSI empfiehlt die Berechnung der Likelihood Ratio bei Vorliegen von Einzelspuren oder abgrenzbaren Hauptkomponenten. Liegen Mischspuren vor, bei denen eine eindeutige und sinnvolle Hypothesenbildung möglich ist, kann die sog. Einschlusschance (›random man not excluded‹, RMNE) berechnet werden.*****

***** ENFSI Guideline for Evaluative reporting in forensic science. http://www.enfsi.eu/news/enfsi-guideline-evaluative-reporting-forensic-science.

***** Evett IA, Pope S (2014) Is it to the advantage of a defendant to infer a greater number of contributors to a questioned sample than is necessary to explain the observed DNA Profile. Sci Justice 54:373-374.

***** Gemeinsame Empfehlung der Projektgruppe ‚Biostatistische DNA-Berechnungen' und der Spurenkommission zur biostatistischen Bewertung von DNA-Analytischen Befunden, 2016

Eine Begutachtung nach dieser Methode lässt folgende beispielhafte Formulierung in einem Gutachten erwarten:

> Es wurden DNA-Merkmale in Form einer Mischspur festgestellt, die durch mindestens zwei Personen verursacht wurde.
> In der Mischspur wurden sämtliche DNA-Merkmale nachgewiesen, wie sie auch Person X aufweist.
> Daher ist Person X als Mitverursacher der Spur nicht auszuschließen.
> In einer Gruppe von … zufällig ausgewählten Personen ist eine Person zu erwarten, die als Mitverursacher der Mischspur in Betracht kommt.

Wird die Häufigkeit der vorkommenden Merkmalskombinationen berechnet, ist im Gutachten beispielhaft folgende Formulierung zu erwarten:

> Die in der Spur und für Person X festgestellten DNA-Merkmale stimmen in den vergleichbaren Merkmalsystemen überein.
> Biostatistisch beträgt die Häufigkeit der übereinstimmenden Merkmalskombinationen weniger als 1 zu … .
> In einer Gruppe von mindestens … zufällig ausgewählten Personen ist eine Person zu erwarten, die als Verursacher der Spur in Betracht kommt.

Auswahl der in Betracht kommenden Vergleichsbevölkerung

Alle Aussagen darüber, mit welcher statistischen Häufigkeit eine Merkmalskombination vorkommt, hängt wesentlich davon ab, welche Vergleichspopulation der/die Sachverständige der Berechnung zugrunde gelegt hat. Gemäß § 81 f Abs. 2 StPO wird dem Gutachter die Herkunft des Tatverdächtigen/der Tatverdächtigen nicht mitgeteilt. Auch Vergleichsproben sind grundsätzlich anonymisiert zu übersenden. Der/die Gutachter/in geht daher grundsätzlich davon aus, dass die Spurenverursacher*innen aus derjenigen Bevölkerung stammen, die in der Region des Tatorts typischerweise vorkommt. Die alternative Hypothesen: »Der/die Beschuldigte ist Spurenverursacher*in« und »Eine unbekannte, mit dem/der Beschuldigten unverwandte Person aus der relativen Vergleichsbevölkerung ist Spurenverursacher»in« würde verfälscht werden, wenn nur die populationsgenetischen Daten der Herkunftsbevölkerung von Verdächtigten verwendet werden. Dies würde implizieren, dass nur Personen mit der Herkunft der Verdächtigen als Spurenverursacher in Betracht kämen.*

Im Rahmen einer ENFSI-Populationsstudie unter Einbeziehung Deutschlands wurden umfangreiche Daten erhoben. In der Regel wird im europäischen Raum diese Referenzpopulation für biostatistische* Berechnungen verwendet. Der Gebrauch einer anderen Vergleichspopulation wäre lediglich gerechtfertigt, wenn als Spurenverursacher ausschließlich Angehörige einer bestimmten ethnischen Herkunft in Betracht kämen.

* Schneider/Anslinger/Eckert/Fimmers/Schneider: Erläuterungen zu den wissenschaftlichen Grundlagen biostatistischer Wahrscheinlichkeitsberechnungen im Rahmen von DNA-Spurengutachten, NStZ 2013, S. 696.

* European Network of Forensic Science Institutes DNA Working Group (2015) ENFSI DNA WG STR Population Database v2. http://www.strbase.org. Zugegriffen: 22. Feb. 2016.

Zusammenfassung für die Praxis der Strafverteidigung

Seit der routinemäßigen Untersuchung von 16 Merkmalssystemen werden bei biostatistischen Berechnungen von Standardkonstellationen enorme Zahlenwerte erreicht. Ergebnisse im Milliardenbereich bieten bereits ein derartiges Maß an Sicherheit bei der Zuordnung von Spuren, dass höhere Zahlenwerte die Aussage qualitativ noch unwesentlich verändern. Für biostatistische Berechnungen bei Einzelspuren wird daher die Einführung eines einheitlichen Schwellenwerts von 30 Milliarden empfohlen.* Die Überprüfung von Gutachten in Bezug auf biostatistische Berechnungen ist für Strafverteidiger*innen keine Mathematikaufgabe, sondern setzt die Kenntnis der erforderlichen Mindeststandards voraus. Diese sind zusammengefasst:

1. Die Berechnungsgrundlage zur Häufigkeitsbestimmung von STR-Genotypen ist Standard und bedarf keiner weiteren Erläuterung im Gutachten.
2. Das Gutachten muss die Information enthalten, welche Vergleichspopulation zur Berechnung herangezogen wurde. Grundsätzlich ist hier die europäische Häufigkeitsverteilung zu verwenden.
3. Werden im schriftlichen Gutachten biostatistische Berechnungen durchgeführt, sind neben der verwendeten Rechenmethode und der verwendeten Software die für die Auswertung relevanten Allele der Spuren und Vergleichsperson in einer Befundtabelle anzugeben.
4. Bei Angabe von Wahrscheinlichkeiten sind die der Berechnung zugrundeliegenden Hypothesen klar zu formulieren.

* Gemeinsame Empfehlung der Projektgruppe ‚Biostatistische DNA-Berechnungen' und der Spurenkommission zur biostatistischen Bewertung von DNA-Analytischen Befunden, 2016

phäno-typisierung

Gänzlich andere Probleme bringt die Nutzbarmachung der DNA-Analyse für *Fahndungszwecke* mit sich. Während beim DNA-Beweis eine am Tatort aufgefundene DNA mit derjenigen eines konkret Tatverdächtigen (oder Einträgen in der DNA-Datenbank) abgeglichen wurde, dient die Analyse eines DNA-Profils bei der Phänotypisierung dazu, einen noch unbekannten Tatverdächtigen zu ermitteln, indem der Kreis der potentiellen Täter durch die Vorhersage individueller äußerer Merkmale eingegrenzt wird. Dies geschieht über die Haut-, Haar- und Augenfarbe eines Spurenlegers, aber auch über eine sog. biogeografische *Herkunftsbestimmung*. Beides ist auch als ›erweiterte DNA-Analyse‹ bekannt. Die biogeografische Herkunftsbestimmung zu Fahndungszwecken ist bis dato in Deutschland nicht zulässig.

Die DNA-Phänotypisierung begegnet, ganz unabhängig von der Sicherheit der forensischen Methode, erheblichen Bedenken:

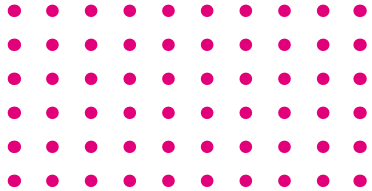
Zum einen greift die ›erweiterte DNA-Analyse‹ – anders als beim DNA-Beweis – nicht einzig auf die nichtcodierenden Bestandteile der DNA zu, die sog. ›Junk-DNA‹, die keine Hinweise auf die individuellen genetischen Anlagen einer Person geben. Es geht ihr geradezu umgekehrt darum, individuelle körperliche Merkmale einer Person aus einem DNA-Profil heraus zu entwickeln. Ob es sich bei der Bestimmung ›äußerer‹ Merkmale um einen unzulässigen Eingriff in den unantastbaren Kernbereich der Persönlichkeit handelt, ist umstritten.* Unstrittig allerdings ist, dass die Feststellung von Erbanlagen, Charaktereigenschaften, Krankheitsanlagen oder psychischen Dispositionen in den unantastbaren Kernbereich der Persönlichkeit eingreifen würde.

Zum anderen werden damit einhergehende Diskriminierungseffekte befürchtet. Vereinfacht gesagt, macht die Nutzung der erweiterten DNA-Analyse zu Fahndungszwecken vor allem dann Sinn, wenn die aus dem DNA-Profil gewonnene Information über äußerliche Merkmale einer Minderheitspopulation entspricht. Oder anders formuliert: Ergibt das aus einer Tatort-Spur gewonnene Profil für eine Verdachtspopulation in einem Dorf in Nordfriesland, dass der Spurenleger wahrscheinlich blond bis rotblond, weiß, in etwa blauäugig (aber zumindest nicht braunäugig) ist (noch nicht zulässig: und mit einer gewissen Wahrscheinlichkeit aus Nordeuropa stammt), dann ist diese Information, was die Ermittlung möglicher Tatverdächtiger anbetrifft, wenig wert. Ergibt dieselbe Spur aus demselben Dorf, dass es sich mit hoher Wahrscheinlichkeit um einen nicht-weißen Spurenleger mit braunen Augen und schwarzen Haaren handelt (noch nicht zulässig: dessen Vaterschaftslinie statistisch gehäuft irgendwo zwischen Istanbul und Teheran vorkommt), dann sieht die Sache schon anders aus.

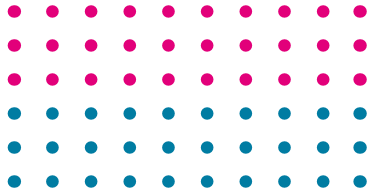
* Vgl. dazu bspw. Zöller/Thörnich, ›Rechtliche Möglichkeiten und Grenzen der Ausweitung von DNA-Analysen im Strafverfahren, ZIS 6/2017, 339

DNA-Phänotypisierung als Ermittlungsinstrument

DNA-Phänotypisierung soll dann zum Einsatz kommen, wenn Ermittler eine DNA-Spur nicht mit dem DNA-Profil einer konkret tatverdächtigen Person abgleichen und keine Übereinstimmung in der DNA-Datenbank gefunden wurde. Die Gruppe potentiell Tatverdächtiger innerhalb einer Gesamtpopulation soll durch die Bestimmung bestimmter Merkmale eingegrenzt werden.

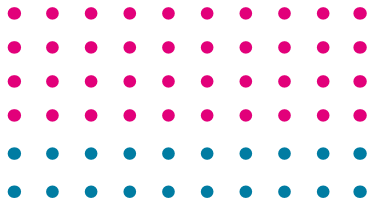


Gesamtpopulation

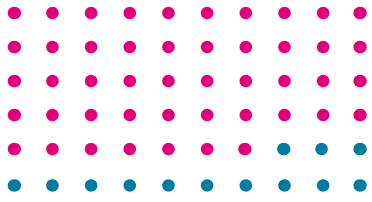


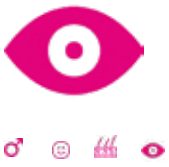
Geschlechtsbestimmung:
männlich
praktisch 100 % Genauigkeit

Bestimmung der Hautfarbe:
hell
(hell, dunkel)
ca. 98 % Genauigkeit



Bestimmung der Haarfarbe:
schwarz
(rot, blond, braun, schwarz)
75 - 90 % Genauigkeit





Bestimmung der Augenfarbe:
blau
(blau, Zwischentöne, braun)
90 - 95 % Genauigkeit

Die DNA-Phänotypisierung hat die Verdächtigengruppe auf schwarzhaarige Männer mit blauen Augen und heller Haut und damit auf nur einen Teil der Bevölkerung eingegrenzt. Die Genauigkeit der Bestimmung ist unterschiedlich. Nach wie vor ist es bspw. schwierig, Zwischentöne der Irisfärbung zu erkennen. Der größte Ausschluss erfolgt durch die Geschlechtsbestimmung. Bei der Hautfarbenbestimmung zeigt sich ein weiterer Effekt: Da der überwiegende Anteil der Bevölkerung in Deutschland hellhäutig ist, wird die Population durch die Bestimmung dieser Hauttönung nur unmaßgeblich eingrenzt.

Umgekehrt wird eingewandt, dass die aus der erweiterten DNA-Analyse gewonnenen Informationen nicht nur be-, sondern auch entlastenden Charakter haben können, beispielsweise wenn neben besagtem Dorf eine seit langem angefeindete Flüchtlingsunterkunft liegt, nach einer Straftat der Verdacht aus rassistischen Erwägungen auf die Bewohner der Einrichtung fällt und ein erweitertes DNA-Profil das Gegenteil nahelegt.

Unabhängig von diesen Erwägungen können bei der erweiterten DNA-Analyse zwar gute Wahrscheinlichkeiten erzielt werden, sie liegen aber nicht bei den im Idealfall erreichbaren 1: 1.000.000.000.000.000. Die Wahrscheinlichkeiten bei der Bestimmung der Augenfarbe bspw. hängen einerseits von der jeweiligen Population, andererseits von der bestimmten Augenfarbe ab. Per IrisPlex können derzeit zwar Vorhersagen mit einer Genauigkeit von über 90 Prozent hinsichtlich der beiden Extreme blau und braun getroffen werden,* bei Mischfarben indessen ist »keine so zuverlässige Vorhersage möglich«.* Für die Bestimmung der Hautfarbe werden Wahrscheinlichkeitswerte von 84 bis 98 Prozent angegeben, die Vorhersage der Haarfarbe gelingt mit wechselnden Wahrscheinlichkeiten (u.a. weil blonde Haare sich im Laufe der Jugend oft zu braunen Haaren verändern).

Ein entscheidendes Problem wird aber auch eine technische Weiterentwicklung der Analysemethoden nicht lösen können: Äußere Merkmale ändern sich und sind veränderbar. Die Redewendung, dass ab einem Alter von 30 Jahren jeder für sein Gesicht selbst verantwortlich ist, trifft die Sache recht gut. Äußere Einflüsse wie Klima und Sonne, Alter und Krankheiten, aber auch sozialer Stand und Lebenswandel verändern die äußerlichen Merkmale ganz ohne bewusstes Zutun. Hinzu kommen die vielfältigen Möglichkeiten der bewussten Veränderung des Äußeren (bspw. durch Haarfärbung).

In der beruflichen Praxis von Strafverteidiger*innen spielt die erweiterte DNA-Analyse nach § 81 e StPO derzeit praktisch keine Rolle. Das liegt auch daran, dass das Verfahren aufwändig und teuer ist.

* Pflugbeil/Thiele/Labudde, ›DNA-Phänotypisierung‹, in: Labudde/Spranger, ›Forensik in der digitalen Welt‹, 2017, 96.

* Schneider PM, Prainack B, Kayser M: The use of forensic DNA phenotyping in predicting appearance and biogeographic ancestry. Dtsch Arztebl Int 2019; 116: 873–80.

selbst nachgoogeln

Wer mehr über die forensische DNA-Analyse erfahren möchte, findet viele gute Hintergrundtexte und Literaturhinweise auch im Internet.

BlooD'NAcid

Der Scienceblog von Prof. Dr. Cornelius Courts berichtet ständig zu Themen der forensischen DNA-Analyse. Der Blog bietet unter der Rubrik ›Basics‹ Einführungstexte in verschiedene Methoden der DNA-Analyse.

Cornelius Courts arbeitet am Institut für Rechtsmedizin des Universitätsklinikums Schleswig-Holstein in Kiel als forensischer Genetiker. Er befasst sich mit forensischer RNA-Analytik und molekularer Ballistik.

https://scienceblogs.de/bloodnacid/artikelserien/

WIE-DNA

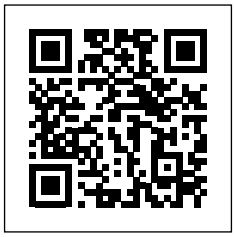
Die Website der ›Wissenschaftlichen Initiative zu erweiterten DNA-Analysen‹ (WIE-DNA) bietet viele aktuelle Beiträge und Hintergrundtexte mit dem Schwerpunkt der DNA-Phänotypisierung.

WIE-DNA ist eine Initiative von Wissenschaftler*innen aus Wissenschaftsforschung, Lebens- und Naturwissenschaften, Mathematik, Rechtswissenschaften, Soziologie und Kulturanthropologie, die mit unterschiedlichen Forschungsansätzen die verschiedenen Anwendungen von DNA-Analysen untersuchen: in der Forschung, in der Biomedizin, in staatlichen Behörden oder in der Polizeiarbeit. Die Initiative ist an den Lehrstuhl für Wissenschaftsforschung am University College der Albert-Ludwigs-Universität Freiburg angebunden.

http://www.wie-dna.de

Gen-ethisches Netzwerk

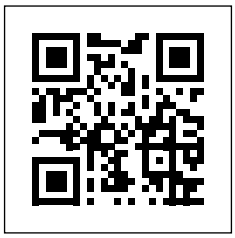
Das Gen-ethische Netzwerk (GeN) ist eine Initiative, die sich den 1980er Jahren kritisch mit den vielen verschiedenen Facetten der Gentechnik auseinandersetzt. Neben Themen wie der Agrar-Genetik, Patentrechte und Bioethik befasst sich das Gen-ethische Netzwerk seit vielen Jahren auch mit der Nutzung genetischer Informationen zu Strafverfolgungszwecken. Das GeN gibt u.a. die Fachzeitschrift Gen-ethischer Informationsdienst (GID) heraus.



https://www.gen-ethisches-netzwerk.de

European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI)

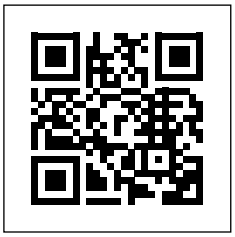
Das ENFSI ist ein Zusammenschluss forensischer Wissenschaftler*innen und Institute. ENFSI veröffentlicht u.a. Empfehlungen und Richtlinien zu vielen Aspekten der Gutachtenpraxis herausgegeben (Best Practice Manuals und Guidelines), die auf der Seite von ENFSI abrufbar sind.



https://enfsi.eu

EDNAP - The European DNA Profiling Group

EDNAP ist ein Zusammenschluss europäischer DNA-Forensiker*innen, der eng mit ENFSI kooperiert.
Ein wichtiges Ziel von EDNAP ist die Standardisierung der DNA-Profilierung in Europa.

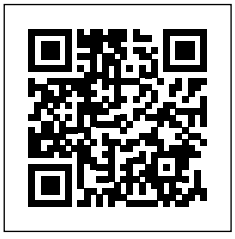


https://www.isfg.org/EDNAP

Forensic Science International GENETICS

FSI GENETICS ist eine internationale Fachzeitschrift für DNA-Forensik und wird herausgegeben von ISFG (International Society for Forensic Genetics).

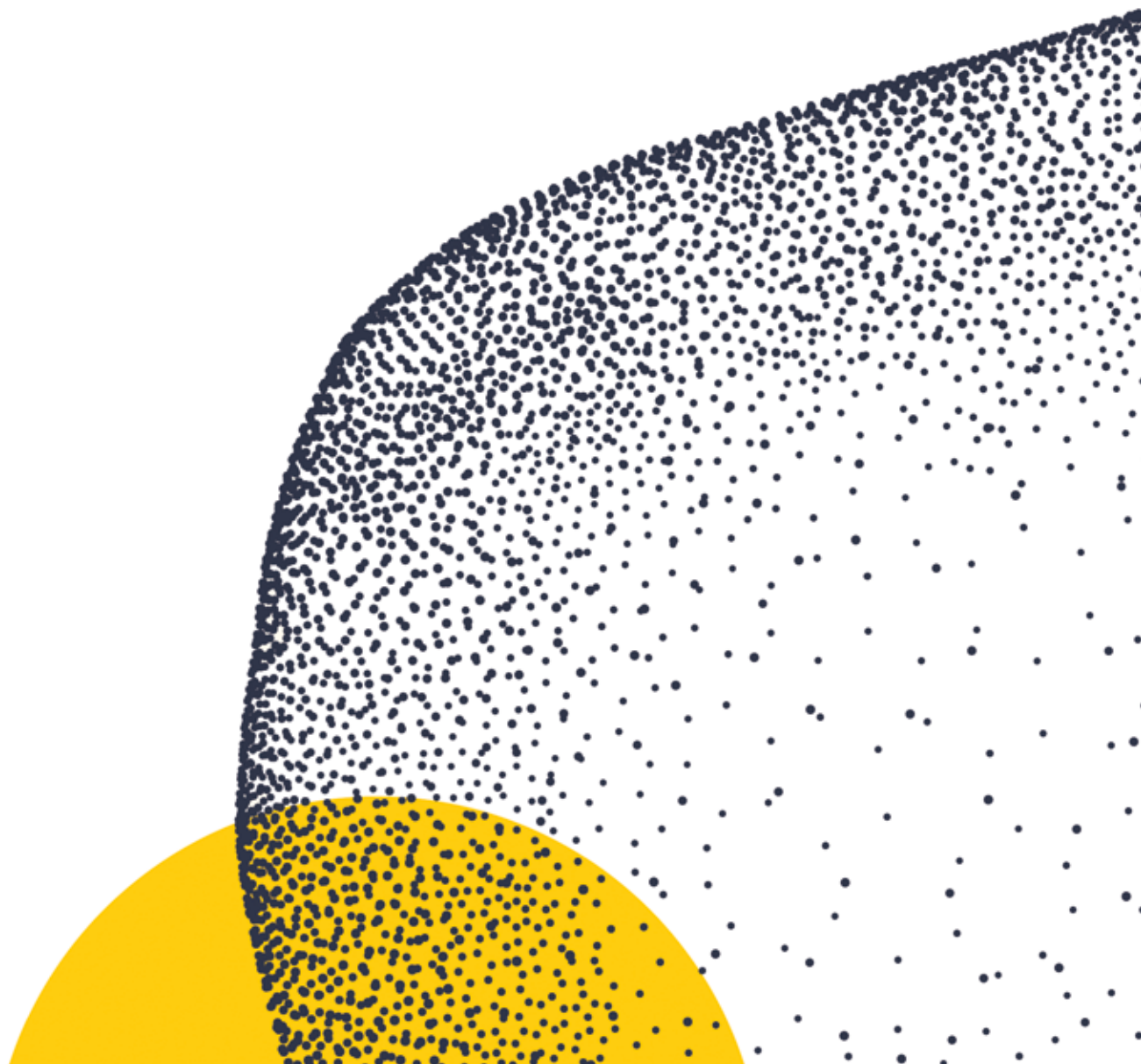
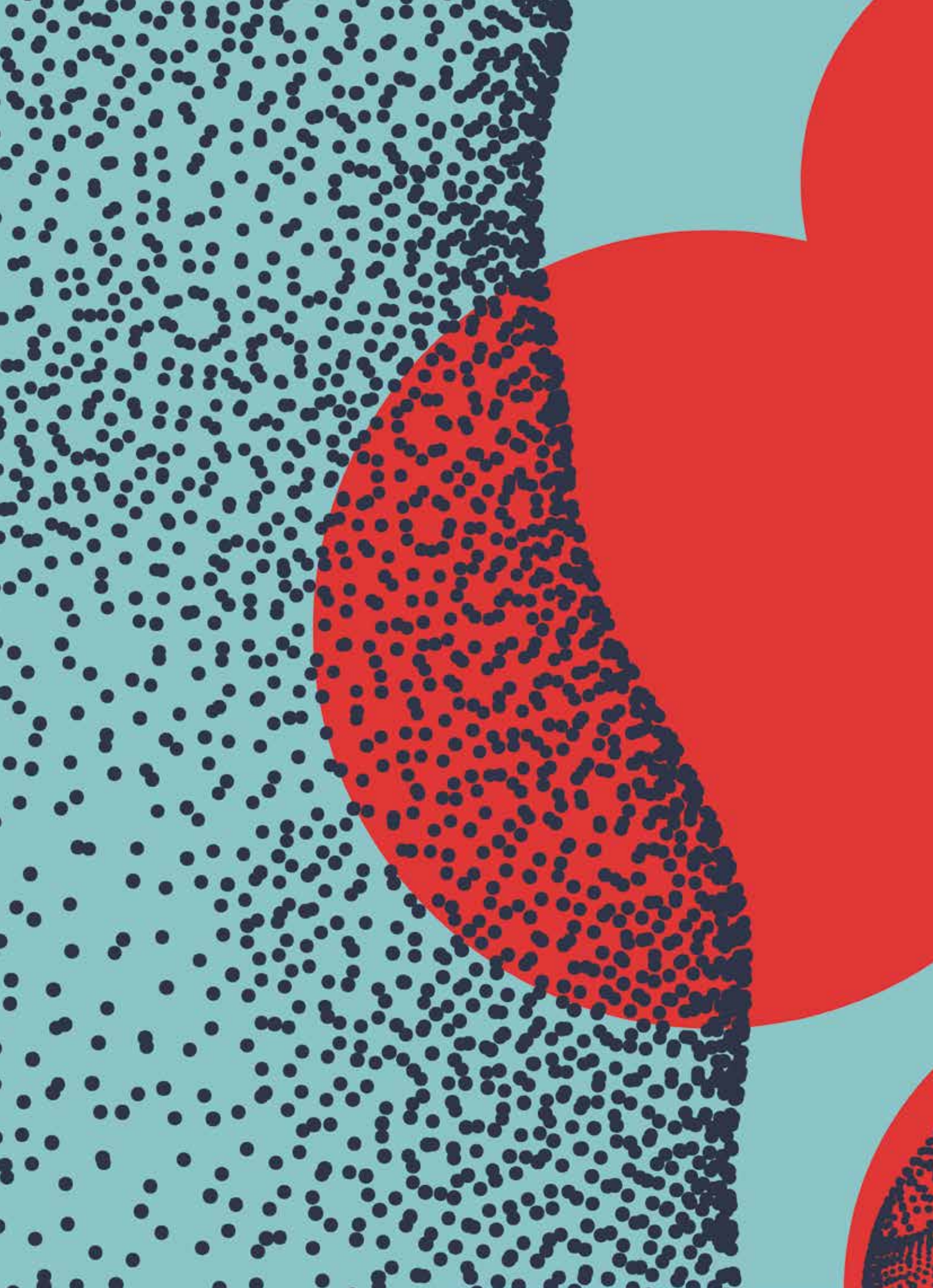
Eine Vielzahl von Studien zu allen relevanten Themen der DNA-Forensik sind bereits in FSI GENETICS erschienen. Über das Archiv kann man in allen Fällen auf die Zusammenfassung der jeweiligen Aufsätze zugreifen, in vielen Fällen bietet FSI GENETICS auch die Möglichkeit eines kostenfreien Downloads.



https://www.fsigenetics.com

Herausgeber:
Organisationsbüro der Strafverteidigervereinigungen

Baden-Württembergische Strafverteidiger e.V.
Initiative Bayerischer Strafverteidigerinnen und Strafverteidiger e.V.
Vereinigung Berliner Strafverteidiger e.V.
Hamburger Arbeitsgemeinschaft für Strafverteidigerinnen und Strafverteidiger e.V.
Vereinigung Hessischer Strafverteidiger e.V.
Schleswig-Holsteinische Strafverteidigervereinigung e.V.
Strafrechtsausschuss des Kölner Anwalt Verein e.V.
Strafverteidigerinnen- und Strafverteidigerverein Mecklenburg-Vorpommern e.V.
Vereinigung Niedersächsischer und Bremer Strafverteidigerinnen und Strafverteidiger e.V.
Strafverteidigervereinigung NRW e.V.
Strafverteidiger Sachsen/Sachsen-Anhalt e.V.

Bildnachweise:

Umschlag außen/innen: StudioM1/istockphoto.com
S. 1: BKA
S. 3: Benjamin Toth/istockphoto.com
S. 9: Organisationsbüro / Thomas Uwer
S. 11: Jacques-Louis David - Der Tod des Jean Paul Marat (1793) - gemeinfrei
S. 12: AlionaManakova/istockphoto.com
S. 17: Anne-Louis Girodet-Trioson - Die Revolte von Kairo (1810) - gemeinfrei